



МОНГОЛ ТЭМЭЭ (*CAMELUS BACTRIANUS*)-НИЙ ПОПУЛЯЦИЙН МОЛЕКУЛ ГЕНЕТИКИЙН СУДАЛГАА

Ч.Батцэцэг¹, Х.Түмэннасан¹, Т.Өлзийсайхан¹, Ж.Хулан², Ц.Жанчив¹

¹Биологийн хүрээлэнгийн генетикийн лаборатори

²МУИС-ийн ББС-ийн Молекул биологийн тэнхим

Цахим ишүүдэн: batukmn@yahoo.com

Хураангуй

Бид монгол тэмээний 3 омог, мөн нутгийн монгол тэмээний 4 популяцийн генетик олон янз байдлыг бөөмийн болон митохондрийн маркераар төлөөлүүлэн судлав. Монгол тэмээний популяциуд нь хоорондоо төдийлөн ялгаагүй байсан ба Увс аймгийн Баруунтуруун сумын жижиг популяци генетик тогтцоороо монгол тэмээний бусад популяциас бага зэрэг ялгаатай байв.

Түлхүүр үг: микросателлит, митохондрийн ДНХ, кластер.

ОРШИЛ

Гэрийн тэмээний гэршүүлэлтийн асуудал одоог хүртэл бүрэн гүйцэд шийдэгдээгүй байгаа бөгөөд Төв болон Зүүн Азид 6000 жилийн өмнөөс гэршүүлсэн хэмээн зарим судлаачид [17, 22] үздэг. Одоогийн гэрийн 2 бөхт тэмээний өвөг нь одоог хүртэл Алтайн өвөр говьд цөөн тоогоор үлдээд буй хавтгай тэмээ гэж үзсээр иржээ. Өнөө үед митохондрийн [10, 19] болон бөөмийн [12] ДНХ-ийн судалгаагаар гэрийн тэмээний шууд өвөг нь хавтгай тэмээ биш хэмээн нотлогджээ.

“Малын омог болон үүлдэр батлах” тухай Хөдөө аж ахуй, хөнгөн хүнсний яамны (хуучин нэрээр) сайдын 1990 оны 08 сарын 13-ны А/69 тушаалын 3-р заалтаар ханын хэцийн хүрэн, галбын говийн улаан тэмээг омгоор тус тус баталжээ [1].

Хос зогдортыг Говь-Алтай аймгийн Төгрөг, Тонхил, галбын говийн улаан тэмээг Өмнөговь аймгийн Ханбогд, ханын хэцийн хүрэн тэмээг Өмнөговь аймгийн Мандал-Овоо сумдад тус тус үржүүлдэг.

Эдгээр 3 удам морфологийн хувьд бие биеэс ялгаатай байх ба хос зогдорт тэмээ нь ноос ихтэйгээрээ бусдаас онцлог, буур нь 8 кг, ингэ нь 6.6 кг ноос өгдөг ажээ. Харин

галбын говийн улаан тэмээ бие томтой бол ханын хэцийн хүрэн тэмээ биеэр жижиг хар хүрэн зүстэй, хамгийн номхон зан араншинтай байдаг.

Монголын хоёр бөхт гэрийн тэмээний популяцийн генетикийн судалгааны материал хомс бөгөөд Хятадын болон Хятад улстай хиллэж буй нутгийн монгол тэмээний 2 популяцийн генетик олон янз байдлыг харьцуулсан судалгааг Жианлин нар хийсэн байдаг [11].

Цусны уургийн 31 локусаар уургийн полиморфизмийн судалгаа явуулахад гэрийн тэмээнд зөвхөн 2 локус полиморфизм бусад бүх локусаар мономорф байсан ба үүнээс үзэхэд генетик хувьслын төвшин доогуур байна [13]. Тэмээний популяцийн гетерозиготийн төвшин ямаа болон буфалогийнхаас 5 дахин бага байна [13, 21].

Бид Монгол тэмээний Ханын хэцийн хүрэн, Хос зогдорт, Галбын говийн улаан омог болон Нутгийн монгол тэмээний популяциудын хоорондын генетик ялгааг илрүүлэх зорилгоор уг судалгааны ажлыг гүйцэтгэв.

МАТЕРИАЛ, АРГАЗҮЙ

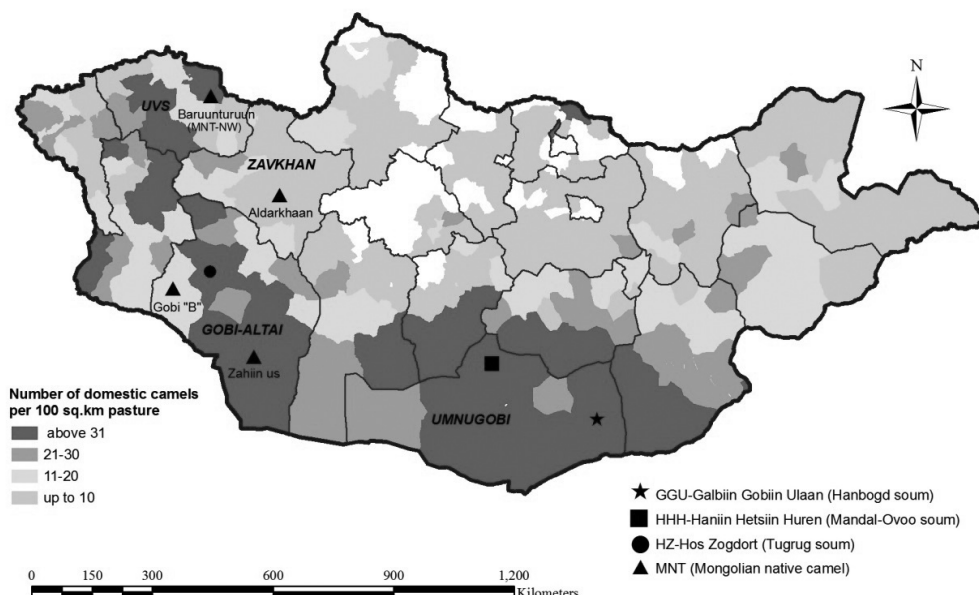
Дээж цуглуулах

Цусны дээжийг авахдаа тухайн амьтны гүрээний судаснаас 1 удаагийн тариураар, 5-10 мл-ийг авч, цитрат бүхий вакуум хуруу шилэнд хийж, лабораторит авч ирж, центрифугдэн ийлдэс, цагаан эс, улаан эсийг ялгаж, хөлдөөгч (-20°C)-нд хадгалав.

Үсний угийн фолликулд ДНХ агуулагддаг ба бид нийт 231 монгол тэмээний цус болон үсний дээж цуглуулав.

Үүнд: Өмнөговь аймгийн Ханбогд

сумын галбын говийн улаан омгийн 43, Мандал-Овоо сумын ханын хэцийн хүрэн омгийн 43, Говь-Алтай аймгийн Төгрөг сумын хос зогдорт омгийн 44, мөн Завхан аймгийн Алдархаан сумаас нутгийн монгол тэмээний 32, Говь-Алтай аймгийн Цогт сумын Захын уснаас 48, Говь-Алтай аймгийн Бугат сумаас 16, Увс аймгийн Баруунтуруун сумын 5 тэмээнээс тус тус цуглуулав (Зураг 1).



Зураг 1. Монгол тэмээний дээж цуглуулсан газрууд болон нягтшил

ННН-Ханын хэцийн хүрэн (Өмнөговь аймгийн Мандал-Овоо сум), ХЗ-Хос зогдорт (Говь-Алтай аймгийн Төгрөг сум), ГГУ-Галбын говийн улаан (Өмнөговь аймгийн Ханбогд сум), МНТ-Нутгийн монгол тэмээ (Завхан аймгийн Алдархаан сум, Говь-Алтай аймгийн Цогт сумын Баянтоорой багийн Захын ус, ГИДЦГ-ын “Б” хэсэг), МНТ-NW-Нутгийн монгол тэмээний Увсын аймгийн Баруунтуруун сумын дээж

Манай орны өргөн уудам нутаг дэвсгэрийн 41.7 хувийг эзлэх цөл, цөлөрхөг

бүс нутагт улсын бүх тэмээний 60 гаруй хувь, Их нууруудын хотгорт 19.9 орчим, Дорнодын талд 7, уулын ба ойт хээрийн бүс нутагт орших аймгуудад дөнгөж 5.2 хувь нь тус тус байршиж байна. Өмнөговь, Дорноговь, Дундговь, Баянхонгор, Говь-Алтай, Ховд, Увс, Өвөрхангай аймагт нийт тэмээний 84.0 хувь тархжээ. Бүсээр авч үзвэл нийт тэмээний 48.4 хувийг Төвийн бүсэд, 27.0 орчим хувийг Баруун бүсэд үржүүлж байна [6].



ДНХ олируулах, Секвенсинг

Нийт цуглуулсан дээжүүдээс QIAmp® DNA kit (Qiagen) kit ашиглан протоколын ДНХ ялгаж цаашдын судалгаанд бэлтгэв.

Гэрийн тэмээний митохондрийн геномын 15120-15922 (NC_009628.2) сайтын 803 bp урттай хэсэг (cyt *b* болон *D-loop*)-ийн генийн нуклеотидын дарааллыг CB15060_Bac-f CR15627_Bac-r болон tPro15402_Bac-f CR16034_Bac-r праймер [19] ашиглан, MegaBACE 1000 секвенатороор тодорхойлж, CODONCo-

DEALIGNER v3.0.2 (CC. Cooperation, USA) программаар бичиглэлийг үйлдэв.

Бид хэвлэлийн эх материалаас шүүн тэмээний зүйлүүдэд хэрэглэдэг уншигдах хүрээгээрээ хоорондоо ялгаатай 17 микросателлитийн локусыг судалгаандаа ашиглав. Уншигдах хүрээ давхцахгүй, аннейлинг температур нь ижил праймеруудыг нэг мультиплексэд хамруулж, (Хүснэгт 1) ПГУ-ыг Silbermayr-ын аргагүйн дагуу хийлээ [20].

Хүснэгт 1

Микросателлит ПГУ-ын горим

Мультиплекс	Праймерийн нэрс	ПГУ-ын горим			
MP1	KS10, KS03, KS05, KS07, KS08	1x:	5';95°C		
		38x:	30";95°C	1';58°C	3';65°C
		1x	7';72°C		
MP2	KS02, KS11, KS09	1x:	5';95°C		
		38x:	30";95°C	1';56°C	3';65°C
		1x	7';72°C		
MP3	KS01 KS04, KS06	1x:	5';95°C		
		38x:	30";95°C	1';58°C	3';65°C
		1x	7';72°C		
MP5	YWLL38, VOLP08, VOLP59, VOLP10	1x:	5';95°C		
		38x:	30";95°C	1';58°C	3';65°C
		1x	7';72°C		
MP6	YWLL36, CVRL07	1x:	5';95°C		
		38x:	30";95°C	1';58°C	3';65°C
		1x	7';72°C		
MP7	YWLL29, VOLP32, LCA65	1x:	5';95°C		
		38x:	30";95°C	1';56°C	3';65°C
		1x	7';72°C		

Микросателлитийн дарааллыг MegaBACE 1000 секвенаторт уншуулан электроферограмыг Genetic Profiler Software v2.2 программаар тодорхойлов (GE Healthcare, Austria).

Статистик анализ

Судалгаанд хамруулсан дээжний бодгаль бүрийн удам төрлийн холбоог COANCESTRY [23] программаар тооцоолов.

Гэрийн тэмээний митохондрийн полиморфизмын гаплотипийн тоо, полиморфик сайтын тоо, генетик ялгааны дундаж утга, (*k*), гаплотипийн олон янз байдал (*H_d*) зэргийг DNAsp 5.1.0.1 [14]-аар тооцоолов. Түүнчлэн Нейгийн генетик зайн

дундаж утгад үндэслэн нуклеотидын олон янз байдал болон Ваттерсоны салалтын коэффициент (θ_s)-ийг тооцсон [24]. Популяцийн генетик зай болон молекул вариаци (AMOVA)-ийг ARLEQUIN v3.11 [8] программаар тооцоолсон. Монгол тэмээний популяциудын хоорондын генетик ялгааг илрүүлэхэд Тажимагийн D, Фугийн F тестийг ашигласан ба BAPS6 [4] болон NETWORK 4.6.1.1 [2] программаар илрүүлэхэд Увс аймгийн Баруунтуруун сумын жижиг популяци (MNT-NW)-д генетик олон янз байдал болон популяцийн ялгаа илрэв. Монгол тэмээний популяцийн доторх микросателлитийн полиморфизмыг



аллелийн нийт тоо (TNA), аллелийн арви (A_r), гетерозиготын төвшин, бөөмийн ДНХ-ийн генетик ялгаа (F_{ST}) зэрэг үзүүлэлтээр MSANALYZER 4.05 [5] программаар тооцоолов.

Инбридингийн коэффициент F_{IS}

[25]-ийг GENETIX [3], микросателлитийн судалгаанд үндэслэсэн популяцийн генетик бүтцийг STRUCTURE v2.3 [18], популяци хоорондын кластерийг STRUCTURE HARVESTER v0.68 [7], CLUMPP [9] болон GenAlEx v6.5 [16] программуудаар тус тус тооцоолов.

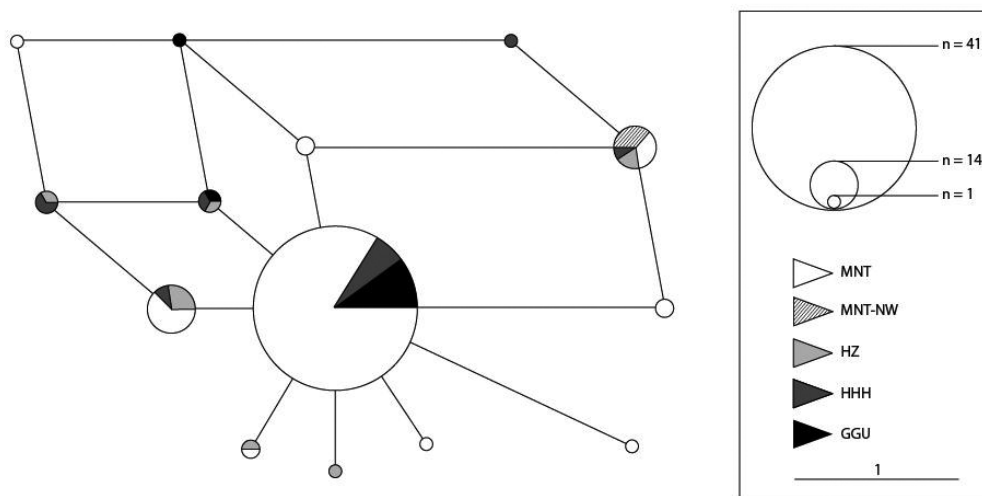
СУДАЛГААНЫ ҮР ДҮН

Бид Монгол тэмээний 3 омог (XXX, ГГУ, ХЗ) болон нутгийн монгол тэмээ (НМТ)-ний генетик олон янз байдлын судалгааг явуулахад нийт дээжний 43 бодгаль удам төрлийн индекс (r) 0.5-аас (Wang 2011) их байсан тул судалгааны түүврээс хасав. Ингээд бид микросателлитийн судалгаанд 150, митохондрийн ДНХ-ийн судалгаанд 83

бодгалийг оролцуулав.

Митохондрийн болон бөөмийн ДНХ-ийн генетик олон янз байдал

мтДНХ-ийн судалгаагаар 14 ялгаатай гаплотип илрүүлсэн бөгөөд эдгээрийн 11 нь шинэ гаплотип байсан тул дэлхийн генийн санд бүртгүүлж, KF640721 – KF640731 бүртгэлийн дугаар авлаа (Зураг 2).



Зураг 2. Монгол тэмээний удам төрлийн холбоогүй 83 дээжний Median Joining Network (MJN) программаар гаплотип илрүүлсэн дүн.

Монгол тэмээний стандарт молекул олон янз байдлын индексээр гаплотипийн олон янз байдал $H_d = 0.725 (\pm 0.044)$, нуклеотидын олон янз байдал $\pi = 0.00195$, генетик ялгааны дундаж утга $k = 1.566$,

Ватерсоны коэффициент $\theta_s = 0.00251$ байв.

Монгол тэмээний 4 популяцийн (XXX, ГГУ, ХЗ болон НМТ) H_d болон π 0.600 ба 0.020, 0.0011-0.0032 хооронд байна (Хүснэгт 2).



Хүснэгт 2

Монгол тэмээний бөөмийн болон митохондрийн ДНХ-ийн
генетик олон янз байдал

мтДНХ (803 bp)							
Pop	n	Haplotype	Var.site	H _d	π	k	θ _s
XXX	8	6	5	0.929 (0.084)	0.0029 (0.002)	2.393 (1.603)	1.928 (1.129)
ХЗ	9	6	7	0.889 (0.091)	0.0032 (0.003)	2.566 (1.796)	2.576 (1.922)
ГГУ	6	3	2	0.6 (0.215)	0.0011 (0.001)	0.867 (0.347)	0.876 (0.468)
НМТ	56	9	9	0.601 (0.067)	0.0014 (0.002)	1.112 (0.525)	1.959 (0.671)
Увс	4	1	0	0.000 (0.000)	0.0000 (0.000)	0.000 (0.000)	0.000 (0.000)
Нийт	83	14	10	0.725 (0.044)	0.0019 (0.002)	1.566 (0.869)	2.004 (0.624)
Микросателлит (18 локус)							
Pop	n	TNA	MNA/locus	Ar	H _O	H _E	F _{IS}
XXX	27	77	4.28 (1.69)	3.97	0.539 (0.239)	0.547 (0.232)	0.0156*
ХЗ	30	78	4.33 (1.94)	3.96	0.559 (0.244)	0.544 (0.230)	-0.028*
ГГУ	35	86	4.78 (2.55)	4.02	0.495 (0.238)	0.508 (0.232)	0.0246*
НМТ	54	91	5.06 (2.46)	4.05	0.523 (0.226)	0.542 (0.225)	0.0378*
Увс	4	35	2.00 (0.82)	n.a.	0.300 (0.335)	0.355 (0.270)	0.0185
Нийт	150	113	7.11 (3.41)	4.22	0.522 (0.224)	0.546 (0.23)	0.0436*

Жич: Pop- Популяци,

n.a. - тухайн популяцийн бодгалийн тоо хэт цөөн.

(Стандарт хазайлтын хэмжээг хүснэгтэд өгөв. TNA: Аллелийн нийт тоо; Var.site-Полиморфик сайт MNA/locus: Локус бүрийн аллелийн дундаж утг. Ar: аллелийн арви. XXX: ханын хэцийн хүрэн; ХЗ: хос зогдорт; ГГУ: галбын говийн улаан; НМТ: нутгийн монгол тэмээ; Увс: Увс аймгийн дээж. *p<0.001).

Монгол тэмээний аллелийн вариацийг 18 микросателлитийн локусаар тооцоолоход аллелийн тоон утга 7.11 байсан ба аллелийн арви (Ar) 3.96-4.05, гетерозиготын төвшин H_O болон H_E 0.495 – 0.539 ба 0.508 – 0.559 байв (Хүснэгт 2). Инбридингийн коэффициент (F_{IS}) дунджаар 0.0436 буюу бага, байв. Хос зогдорт омгийн тэмээнд инбридингийн коэффициент F_{IS} = -0.028 буюу хасах утгатай гарсан нь цус ойртолт байхгүйгээр тайлбарлагдана (Хүснэгт 2).

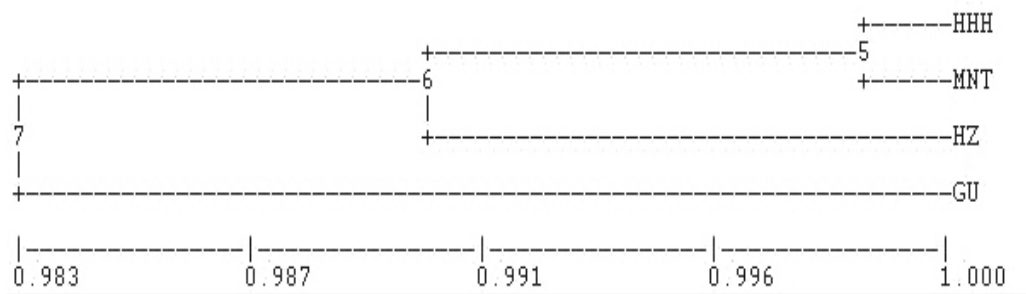
Популяцийн бүтэц болон ялгаа

Монгол тэмээний популяцийн

молекул генетик бүтцийг BAPS кластер анализаар шинжлэхэд 5 гаплогруппэд 81 хувийн магадлалтайгаар хуваагдаж байгаа ба Увс аймгийн Баруунтуруун сумын жижиг популяци, нутгийн монгол тэмээний DC191 дугаартай Говь-Алтай аймгийн Бугат сумын бодгаль тусдаа кластерт хуваагдаж, бусад популяци нь ялгаралгүй байна. BAPS-ийн кластерийн анализийн үр дүнг AMOVA-аар тооцоолоход микросателлитийн вариаци 97 %, митохондрийн вариацийн төвшин 73 % байв.

Микросателлитийн генетик ялгаа (F_{ST}), нутгийн монгол тэмээ болон XXX омгийн хооронд 0.003, Увс аймгийн популяци болон ГГУ омгийн хооронд 0.207 байв.

Митохондрийн генетик ялгаа (Φ_{ST}) Увс аймгийн популяци болон монгол тэмээний бусад популяциудын хооронд 0.485 – 0.833, Нутгийн монгол тэмээ болон XXX омгийн хооронд 0.156 зайтай байна.



Зураг 3. Монгол тэмээний популяциудын филогенетикийн зураглал
Тайлбар: HNN-Ханын хэцийн хүрэн, MNT-Нутгийн монгол тэмээ,
HZ-Хос зогдорт, GU-Галбын говийн улаан

Монгол тэмээний популяци хоорондын генетик зайг GDA программаар тооцоолж, дээрх зурагт үзүүлэв (Зураг 3). Зургаас үзэхэд ханын хэцийн хүрэн, нутгийн монгол тэмээний популяцийн хоорондын генетик зай бага буюу нэг кластерт багтаж

байхад Өмнөговь аймгийн Ханбогд суманд үржүүлж буй галбын говийн улаан, Говь-Алтай аймгийн Төгрөг суманд үржүүлж буй хос зогдорт омгууд нь тусдаа кластерт хуваагдаж байна.

ХЭЛЭЛЦҮҮЛЭГ

Монгол тэмээний митохондрийн 14 гаплотипийн H_d болон π нь нэг бөхт тэмээний мөн үзүүлэлтэй (0.744, 0.0036; Chagui *et al.* хэвлэлтэнд) харьцуулахад доогуур байна. Гетерозиготын төвшингөөр (H_o , H_e) Хятадын хоёр бөхт тэмээ [11] мөн Кенийн нэг бөхт тэмээтэй ойролцоо [15], Австралийн нэг бөхт тэмээний популяциас арай өндөр байна.

Монгол тэмээний цусны уургийн полиморфизмын судалгаанаас харахад генетик вариаци маш бага байдаг [13].

Монгол тэмээний аж ахуйн ашигт

шинжүүдийн хувьсал тогтвортой явагдаж ирсэн гэж үзэж болно. Галбын говийн улаан болон Ханын хэцийн хүрэн омог, тэдгээрийн завсрын байрлалтай сүргүүдийн аж ахуйн ашигт шинжүүдийн хувьсамтгай чанарын үзүүлэлтүүдэд мэдэгдэм ялгаа гараагүй [11]. Монгол тэмээний инбридингийн коэффициент Араб болон Африкийн нэг бөхт тэмээний популяци (4.4-9.2%; Chagui *et al.* хэвлэлтэнд), мөн Австралийн нэг бөхт тэмээний популяци (13.7- 23.2%;)-иас бага байна.

ДҮГНЭЛТ

Монгол тэмээний омгууд болон нутгийн монгол тэмээнд популяцийн тусгаарлалт ажиглагдаагүй. Сүүлийн 20-иод жилийн дотор монгол тэмээний тоо толгой хүний нөлөөгөөр эрчимтэй буурсан нь тэмээний генетик олон янз байдал багасахад хүргэжээ гэж үзэх үндэслэлтэй байна. Ийнхүү тэмээний тоо толгой буурсаар байвал Монгол тэмээний генетик

вариаци багасах магадлал ихтэй байна.

Бидний судалгаагаар монгол тэмээний 3 омог болон нутгийн монгол тэмээний 4 популяцийн хооронд генетик ялгаа (2-11%) маш бага болох нь илрэв.

Монгол тэмээний популяциудаас шинэ 11 гаплотип илрүүлж, дэлхийн генийн санд бүртгүүлэв.



ТАЛАРХАЛ

Тус судалгааны ажлыг санхүүжүүлсэн Австрийн шинжлэх ухааны сангийн FWF P24706 төсөл болон Uninet (EPU 31/2011) тэтгэлэгийн хамт олонд чин сэтгэлийн

талархал илэрхийлье. Түүнчлэн судалгааны дээж материал цуглуулахад тусалсан мал аж ахуйн мэргэжилтнүүд, малчдад талархаж байна.

Summary

POPULATION MOLECULAR GENETIC STUDY OF MONGOLIAN TWO HUMPED DOMESTIC CAMEL (*CAMELUS BACTRIANUS*)

Ch. Battsetseg¹, Kh. Tumennasan¹, T. Ulziisaihan¹, J. Hulan², Ts. Janchiv¹

¹ Genetics laboratory of Institute of Biology Биологийн хүрээлэнгийн генетикийн лаборатори

² Department of Molecular biology and genetics, National university of Mongolia

E-mail: batukmn@yahoo.com

Among the domesticated Old World camelids (Camelini), Mongolian Bactrian camels harbor a genetic diversity comparable to that of Chinese Bactrian camels and dromedaries.

After removing closely related individuals, we did not detect high inbreeding in the different Mongolian breeds or evidence for a shrinking population or bottleneck. Our analyses rather suggested a stable or expanding population. The actual number of Mongolian Bactrian camels has severely declined over the past 20 years. This time period might be too short as to leave genetic signals detectable with the marker sets in this study. If this negative development continues, it might lead to a reduced genetic variability in Mongolian camels that could affect production traits as well as the potential for adaptation.

Based on neutral markers we see little population structure in Mongolian Bactrian camels. This leads us to the conclusion that the phenotypic differentiation observed in the Mongolian breeds might be mainly due to recent anthropogenic selection, which will rather change allele frequencies in (selected) gene-based than in neutral markers.

Future studies using candidate-gene or genome-wide approaches will be useful to detect loci under selection for breed differentiation and to target potential effects of the recent population decline.

Ашигласан бүтээлийн жагсаалт

1. Baldan T. (2011) The studying domestic camel in last 50 years. Institute of Animal Husbandry. Mongolia
2. Bandelt H., Forster P., Rohlf A. (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* 16, 37-48.
3. Belkhir K., Borsa P., Goudet J., Chikhi L., Bonhomme F. (1999) Genetix, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome et Populations, Université de Montpellier, France.
4. Corander J., Tang J. (2007) Bayesian analysis of population structure based on linked molecular information. *Mathematical Biosciences* 205, 19-31. *Molecular Ecology* (2013) 22, 2931-2940 doi: 10.1111/mec.12174
5. Dieringer D., Schlötterer C. (2003) Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. *Molecular Ecology Notes* 3, 167-169.



6. Dorjgotov D. (2009) National Atlas of Mongolia. Ulaanbataar, pp. 199.
7. Earl D., vonHoldt B. (2012) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources* 4, 359-361.
8. Excoffier L., Lischer H. (2010) ARLEQUIN suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10, 564-567.
9. Jacobsson M., Rosenberg N.A. (2007) CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23, 1801-1806.
10. Ji R., Cui P., F.Ding., Geng J., Gao H., Zhang H., Yu J., Hu S., Meng H. (2009) Monophyletic origin of domestic Bactrian camel (*Camelus bactrianus*) and its evolutionary relationship with the extant wild camel (*Camelus bactrianus ferus*). *Animal Genetics* 40, 377-382.
11. Jianlin H., Ochieng J. W., LKhagva B. & Hanotte O. (2004) Genetic diversity and relationship of domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*) in China and Mongolia. *Journal of Camel Practice and Research* 11, 97-99.
12. Jirimutu. et al. (2012) Genome sequences of wild and domestic bactrian camels. *Nature Communications* 3, 1202.
13. Koshimoto C., Amano T., Nozawa K., Tanabe Y., Munkhtoyaa B., Tumennasan H., Zhanchiv T. (1999) Blood protein/Enzyme polymorphisms in the two humped camel (*Camelus bactrianus*) of Mongolia. *Report of the society for researches on native livestock* 17, 95-102.
14. Librado P., Rozas J. (2009) DNASP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25, 1451-1452.
15. Mburu D.N., Ochieng J.W., Kuria S.G., Jianlin H., Kaufmann B., Rege J.E.O., Hanotte O. (2003) Genetic diversity and relationships of indigenous Kenyan camel (*Camelus dromedarius*) populations: implications for their classification. *Animal Genetics* 34, 26-32.
16. Peakall R., Smouse P.E. (2012) GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
17. Peters J., von den Driesch A. (1997) The two-humped camel (*Camelus bactrianus*): New light on its distribution, management and medical treatment in the past. *Journal of Zoology* 242, 651-679.
18. Pritchard J., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
19. Silberman K., Tero N., Charruau P., Enkhbileg D., Walzer C., Burger P.A. (2010a) Isolation and characterization of nine new microsatellite loci in the domestic Bactrian camel (*Camelus bactrianus*) and amplification in the wild Bactrian camel (*C. ferus*). *Molecular Ecology Resources* 10, 1106-1108.
20. Silberman K., Orozco-terWengel P., Charruau P., Enkhbileg D., Walzer C., Vogl C., Schwarzenberger F., Kaczensky P., Burger P.A. (2010b) High mitochondrial differentiation levels between wild and domestic Bactrian camels: a basis for rapid detection of maternal hybridization. *Animal Genetics* 41, 315-318.
21. Tapio M., Miceikienė I., Vilkki J., Kantanen J. (2003) Comparison of microsatellite and blood protein diversity in sheep: inconsistencies in fragmented breeds. *Molecular Ecology* 12, 2045-2056.
22. Trinks A., Burger P.A., Beneke N., Burger J. (2012) Simulations of populations ancestry of the two-humped camel (*Camelus bactrianus*). In: *Camels in Asia and North Africa. Interdisciplinary perspectives on their significance in past and present*. (ed. by E.M. Knoll, P.A. Burger), pp. 79-86. Austrian Academy of Sciences Press, Vienna.
23. Wang J. (2011) COANCESTRY: A program for simulating, estimating and analyzing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources* 11, 141-145.
24. Watterson G. (1975) On the number of segregating sites in genetical models without recombination. *Theoretical Population Biology* 7, 256-276.
25. Weir B.S., Cockerham C.C. (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38, 1358-1370.